

Figure 1 SEQ NO ID: 3

1 ~~gtatgtaaatc~~ gaaacttagtta ~~cc~~cacaactag tacacccaa atgaacaaaa
49 aatacgcttgg tggtaataatt aaaatgccac caaaatttat acaataatta tattttcttt
109 ttgcaggaaa aagatttagac cacatataat gtaacttatt tcacaaggta aataattata
169 ataaataata tggattaact gagttttaaa aggtgaaata aataatgaat tcttcatgc
229 gtcttgtatg ttaataaaaa ttgaaaaatt ttgaagaccc cattttgtcc caagaatttc
289 atttacaggt attgaatttt tcaaaggta caaaggaaat tttattgata taataaatgc
349 atgttctcat aataaccata aatctagggt tttgttgggg ttttttttg tttgttaatt
409 tagaacaatg ccattccatt tcctgtataa tgagtcaatt ctgttgcata aactctccctt
469 agaatttctt gggagaggaa ctgaacagaa cattgatttc ctatgtgaga gaattcttag
529 aatttaaata aacctgttgg ttaaactgaa accacaaaat tagcattta ctaatcagta
589 ggtttaaata gcttggaaagc aaaagtctgc catcaccttg atcatcaac ~~c~~ cagcttgcgtg
649 ~~cttcttcc~~ gtcttgggtt caaggttata tgtatacata taacaaaatt tctatgatt
709 tcctctgtct catcttcatt tcctcaactaa tacgcagttg taactttct atgtgattgc
769 aagtattggc actttccat gatatactgt tagcttaaaa atatattgc aaatgttgc
829 actatctatc tcagagctat aggtgaaaaa ttaaataactt ttataaagac caaattgatc
889 attttaaac gaaattctta tatactgaaa atgttagatac ataacttcag tatagattta
949 tggtaaaata atttgaatca ttttgcata attctgtaaa aagttgtcat acagaataat
1009 ttataatatt tttgtttca tagaaataac atttctggta ~~gaatatttca~~ agg 1061

▼ indicates the start of exon 1

Figure 2 SEQ NO ID: 5

Sequence alignment of the 4 alleles

Variations in transcription factor binding sites are marked with boxes

Allel_1	10	20	30	40	50	
Allel_2	1	GAATGAATGA ACTAGTTACC ACAACTAGTA CACCCAAAAT GAACAAAAAA				50
Allel_3	1	GAATGAATGA ACTAGTTACC ACAACTAGTA CACCCAAAAT GAACAAAAAA				50
Allel_4	1	GAATGAATGA ACTAGTTACC ACAACTAGTA CACCCAAAAT GAACAAAAAA				50
	60	70	80	90	100	
Allel_1	51	TAGCTTGGTG GTATAATTAA AATGCCACCA AAAGTTTATAC AATAATTGTA				100
Allel_2	51	TAGCTTGGTG GTATAATTAA AATGCCACCA AAATTTATAC AATAATTATA				100
Allel_3	51	TAGCTTGGTG GTATAATTAA AATGCCACCA AAATTTATAC AATAATTATA				100
Allel_4	51	TAGCTTGGTG GTATAATTAA AATGCCACCA AAATTTATAC AATAATTATA				100
	110	120	130	140	150	
Allel_1	101	TTTTCTTTTT GCAGGAAAAA GATTAGACCA CATATAATGT AACTTATTTC				150
Allel_2	101	TTTTCTTTTT GCAGGAAAAA GATTAGACCA CATATAATGT AACTTATTTC				150
Allel_3	101	TTTTCTTTTT GCAGGAAAAA GATTAGACCA CATATAATGT AACTTATTTC				150
Allel_4	101	TTTTCTTTTT GCAGGAAAAA GATTAGACCA CATATAATGT AACTTATTTC				150
	160	170	180	190	200	
Allel_1	151	ACAAGGTAAA TAATTATAAT AAATAATATG GATTAACGTGA GTTTTAAAAG				200
Allel_2	151	ACAAGGTAAA TAATTATAAT AAATAATATG GATTAACGTGA GTTTTAAAAG				200
Allel_3	151	ACAAGGTAAA TAATTATAAT AAATAATATG GATTAACGTGA GTTTTAAAAG				200
Allel_4	151	ACAAGGTAAA TAATTATAAT AAATAATATG GATTAACGTGA GTTTTAAAAG				200
	210	220	230	240	250	
Allel_1	201	GTGAAATAAA TAATGAATTC TTCTCATGGT CTTGTATGTT AATAAAAATT				250
Allel_2	201	GTGAAATAAA TAATGAATTC TTCTCATGGT CTTGTATGTT AATAAAAATT				250
Allel_3	201	GTGAAATAAA TAATGAATTC TTCTCATGGT CTTGTATGTT AATAAAAATT				250
Allel_4	201	GTGAAATAAA TAATGAATTC TTCTCATGGT CTTGTATGTT AATAAAAATT				250
	260	270	280	290	300	
Allel_1	251	GAAAAATTTC GAAGACCCA TTTGTCCCA AGAATTTCAT TTACAGGTAT				300
Allel_2	251	GAAAAATTTC GAAGACCCA TTTGTCCCA AGAATTTCAT TTACAGGTAT				300
Allel_3	251	GAAAAATTTC GAAGACCCA TTTGTCCCA AGAATTTCAT TTACAGGTAT				300
Allel_4	251	GAAAAATTTC GAAGACCCA TTTGTCCCA AGAATTTCAT TTACAGGTAT				300
	310	320.	330	340	350	
Allel_1	301	TGAATTTTC AAAGGTACA AAGGAAATT TATTGATATA ATAAATGCAT				350
Allel_2	301	TGAATTTTC AAAGGTACA AAGGAAATT TATTGATATA ATAAATGCAT				350
Allel_3	301	TGAATTTTC AAAGGTACA AAGGAAATT TATTGATATA ATAAATGCAT				350
Allel_4	301	TGAATTTTC AAAGGTACA AAGGAAATT TATTGATATA ATAAATGCAT				350
	360	370	380	390	400	
Allel_1	351	GTTCTCATAA TAACCATAAA TCTAGGGTT TGTTGGGTT TTTT--GTTT				400
Allel_2	351	GTTCTCATAA TAACCATAAA TCTAGGGTT TGTTGGGTT TTTTTGTTT				400
Allel_3	351	GTTCTCATAA TAACCATAAA TCTAGGGTT TGTTGGGTT TTTTT----				400
Allel_4	351	GTTCTCATAA TAACCATAAA TCTAGGGTT TGTTGGGTT TTTTT----				400
	410	420	430	440	450	
Allel_1	401	GTAAATTAA GAACAATGCC ATTCCATTTC CTGTATAATG AGTCCTTCTT				450
Allel_2	401	GTAAATTAA GAACAATGCC ATTCCATTTC CTGTATAATG AGTCCTTCTT				450
Allel_3	401	GTAAATTAA GAACAATGCC ATTCCATTTC CTGTATAATG AGTCCTTCTT				450
Allel_4	401	GTAAATTAA GAACAATGCC ATTCCATTTC CTGTATAATG AGTCCTTCTT				450
	460	470	480	490	500	
Allel_1	451	TGTTGTAAA CTCTCCTTAG AATTCTTGG GAGAGGAACAT GAACAGAACAT				500
Allel_2	451	TGTTGTAAA CTCTCCTTAG AATTCTTGG GAGAGGAACAT GAACAGAACAT				500
Allel_3	451	TGTTGTAAA CTCTCCTTAG AATTCTTGG GAGAGGAACAT GAACAGAACAT				500
Allel_4	451	TGTTGTAAA CTCTCCTTAG AATTCTTGG GAGAGGAACAT GAACAGAACAT				500

U.S. Patent Application No. 10/524,295
By: Eva-Maria PRINZENBERG et al.
Filed: September 29, 2005
Title: METHOD FOR SCREENING
THE ALLELIC STATE AT THE ...
REPLACEMENT SHEET

Figure 2 (continued) SEQ NO ID: 5

	510	520	530	540	550		
Allel_1	501	TGATTTCCCT	ATGTGAGAGA	ATTCTTAGAA	TTTAAATAAA	CCTGGTTA	550
Allel_2	501	TGATTTCCCT	ATGTGAGAGA	ATTCTTAGAA	TTTAAATAAA	CCTGGTTA	550
Allel_3	501	TGATTTCCCT	ATGTGAGAGA	ATTCTTAGAA	TTTAAATAAA	CCTGGTTA	550
Allel_4	501	TGATTTCCCT	ATGTGAGAGA	ATTCTTAGAA	TTTAAATAAA	CCTGGTTA	550
	560	570	580	590	600		
Allel_1	551	AACTGAAAC	CACAAAATTA	GCATTTACT	AATCAGTAGG	TTTAAATAGCT	600
Allel_2	551	AACTGAAAC	CACAAAATTA	GCATTTACT	AATCAGTAGG	TTTAAATAGCT	600
Allel_3	551	AACTGAAAC	CACAAAATTA	GCATTTACT	AATCAGTAGG	TTTAAATAGCT	600
Allel_4	551	AACTGAAAC	CACAAAATTA	GCATTTACT	AATCAGTAGG	TTTAAATAGCT	600
	610	620	630	640	650		
Allel_1	601	TGGAAGCAA	AAGTCTGCCA	TCACCTTGAT	CATCAACCCA	GCTTGCTGCTT	650
Allel_2	601	TGGAAGCAA	AAGTCTGCCA	TCACCTTGAT	CATCAACCCA	GCTTGCTGCTT	650
Allel_3	601	TGGAAGCAA	AAGTCTGCCA	TCACCTTGAT	CATCAACCCA	GCTTGCTGCTT	650
Allel_4	601	TGGAAGCAA	AAGTCTGCCA	TCACCTTGAT	CATCAACCCA	GCTTGCTGCTT	650
	660	670	680	690	700		
Allel_1	651	TCTT					
Allel_2	651	TCTT					
Allel_3	651	TCTT					
Allel_4	651	TCTT					